

1	GAAGAGTTGATTGAGAAGTGCCTCTTGGTTAAGGATTAACCACAGGGAAAAATCCAGCAG	60	66
1	GAAGAGTTGATTGAGAAGTGCCTCTTGGTTAAGGATTAACCACAGGGAAAAATCCAGCAG  O O O O O	60	66
61	AAACAGAAGAACTGTGGGTTTCTTACCCCAGCCCTCAAGGAAGCTATGCCGTGAAAGGGG	120	126
61	AAACAGAAGAACTGTGGGTTTCTTACCCCAGCCCTCAAGGAAGCTATGCCGTGAAAGGGG	120	126
121	TACTGATACACTGACATACAGCAAGTTGGACGGGGCATCAGTTCTTCATTTGTGGAGTGG	180	186
121		180	186
181		240	246
181	AGAAAAGAAGAAGAATCTCTCATTTGGGGCATTTGAAGGATGGCTTCCCTGTTTCATCA	240	246
241		300	306
241	GCTTCAGATCCTGGTCTGGAAAAATTGGCTAGGTGTAAAAAGGCAGCCGCTTTGGACACT	300	306
301		360	366
301		360	366
361		420	426
361	TCCTCCAACTGCAAAACCAACTTGTTACCTCGCACCTCGAAACCTTCCTAGTACTGGATT  o o o o o o	420	426
421		480	486
421	CTTTCCATTCCTGCAGACCCTACTCTGTGACACAGACTCTAAATGCAAAGACACCCTA  OOOOOOOOOOOOOOOOOOOOO	480	486
481		540	546
481		540	546

541		600	606
541	GATTCTGAGAAAGTCATCCAACCTGGATAAGGACAGCAGTTTATCATTCCAGAGCACCCA  O O O O O O O	600	606
601	AGTTCCAGAAAGAAGGCATGCATCACTAGCCACAGTATTTCCCAGTCCAAGTTCTGATTT	660	666
601	AGTTCCAGAAAGAAGGCATGCATCACTAGCCACAGTATTTCCCAGTCCAAGTTCTGATTT	660	666
661	GGAAATCCCCGGAACATATACTTTCAATGGCAGTCAAGTGCTCGCACGAATTCTTGGCTT	720	726
661	GGAAATCCCCGGAACATATACTTTCAATGGCAGTCAAGTGCTCGCACGAATTCTTGGCTT	720	726
721	GGAAAAGCTGTTAAAGCAAAATTCAACTTCAGAAGATATACGAAGAGAACTATGTGACAG	780	786
721	GGAAAAGCTGTTAAAGCAAAATTCAACTTCAGAAGATATACGAAGAGAACTATGTGACAG o o o o o	780	786
781	CTATTCAGGATACATTGTGGATGATGCCTTCTCTTGGACCTTTCTAGGAAGAAATGTTTT	840	846
781	CTATTCAGGATACATTGTGGATGATGCCTTCTCTTGGACCTTTCTAGGAAGAAATGTTTT	840	846
841	TAACAAATTTTGCCTTTCTAACATGACCCTTTTAGAGTCTTCTCCCAAGAACTAAACAA	900	906
841	TAACAAATTTTGCCTTTCTAACATGACCCTTTTTAGAGTCTTCTCTCCAAGAACTAAACAA o o o o o	900	906
901	ACAGTTCTCCCAGCTATCCAGTGACCCCAACAATCAGAAGATAGTTTTCAGGAAATAGT	960	966
901	ACAGTTCTCCCAGCTATCCAGTGACCCCAACAATCAGAAGATAGTTTTCAGGAAATAGT	960	966
961	CAGAATGCTGTCTTCTCACAAGTGCAAGAGCAGAAAGCTGTGTGGCAGCTTCTGTC	1020	1026
961	CAGAATGCTGTCTTCTCACAAGTGCAAGAGCAGAAAGCTGTGTGGCAGCTTCTGTC	1020	1026
1021	TAGTTTTCCAAATGTGTTTCAGAATGACACATCACTAAGCAATCTATTTGATGTTCTTCG	1080	1086
1021	TAGTTTTCCAAATGTGTTTCAGAATGACACATCACTAAGCAATCTATTTGATGTTCTTCG	1080	1086

1081	AAAGGCAAACAGTGTGCTGGTTGTGCAGAAGGTTTATCCACGTTTTGCAACTAACGA	1140	1146
1081	AAAGGCAAACAGTGTGCTGGTTGTGCAGAAGGTTTATCCACGTTTTGCAACTAACGA	1140	1146
1141	AGGTTTCAGAACCCTCCAGAAGTCTGTTAAACATCTGCTGTACACTCTGGACTCCCCAGC	1200	1206
1141	AGGTTTCAGAACCCTCCAGAAGTCTGTTAAACATCTGCTGTACACTCTGGACTCCCCAGC	1200	1206
1001		1000	
1201	TCAAGGTGACTCCGATAATATAACGCATGTGTGGAATGAGGATGATGGACAGACCTTATC	1260	1266
1201	$\begin{array}{cccccccccccccccccccccccccccccccccccc$	1260	1266
1061			
1261	TCCAAGCAGTCTGGCTGCACAGCTCCTAATTCTGGAAAACTTTGAAGATGCCCTCTTAAA	1320	1326
1261	$ \begin{array}{cccccccccccccccccccccccccccccccccccc$	1320	1326
1221		1200	1386
1321			1300
1321	TATATCAGCAAATAGTCCTTATATTCCTTACTTGGCATGTGTGAGAAATGTGACTGAC	1380	1386
1381		1440	1446
			T446
1381	TTTGGCCAGAGGTTCACCAGAAAATCTAAGACTCCTGCAGTCCACAATACGATTTAAAAA  o o o o o o	1440	1446
1441		1500	1506
1441	ATCTTTTCTTCGCAATGGTTCCTATGAAGATTACTTTCCTCCAGTTCCTGAAGTCCTAAA	1500	1506
1501	. ATCAAAACTGTCTCAACTTCGAAACTTGACCGAACTTCTTTGTGAATCTGAAACTTTCAG	1560	1566
1501	ATCAAAACTGTCTCAACTTCGAAACTTGACCGAACTTCTTTGTGAATCTGAAACTTTCAG ° ° ° ° ° ° °	1560	1566
1561		1620	1626
1561	TTTGATAGAGAAGTCATGCCAGCTCTCTGATATGAGCTTTGGGAGCCTGTGTGAAGAAAG	1620	1626

1621	TGAGTTTGATCTGCAACTCCTCGAAGCGGCAGAGCTGGGCACCGAAATAGCAGCCAGC	1680	1686
1621		1680	1686
1681	ACTGTACCATGACAATGTCATATCTAAAAAAGTGAGAGATTTGCTGACTGGAGATCCAAG	1740	1746
1681		1740	1746
1741	CAAAATTAATTTAAATATGGATCAGTTTCTAGAACAGGCACTGCAAATGAATTACTTGGA	1800	1806
1741	CAAAATTAATTTAAATATGGATCAGTTTCTAGAACAGGCACTGCAAATGAATTACTTGGA o o o o o	1800	1806
1801	AAATATCACTCAGTTAATACCGATCATAGAAGCCATGCTGCATGTCAATAACAGTGCAGA	1860	1866
1801	AAATATCACTCAGTTAATACCGATCATAGAAGCCATGCTGCATGTCAATAACAGTGCAGA o o o o o	1860	1866
1861	TGCTTCTGAAAAGCCAGGTCAGTTACTAGAAATGTTTAAAAATGTTGAAGAGCTGAAAGA	1920	1926
1861		1920	1926
1921		1980	1986
1921	AGATTTAAGGAGAACAACAGGAATGTCCAACAGGACTATTGACAAGTTGCTGGCCATTCC	1980	1986
1981		2040	2046
1981	CATCCCTGATAATAGAGCTGAGATTATTTCTCAGGTGTTCTGGCTGCATTCCTGTGATAC  o o o o o o	2040	2046
2041	TAATATCACCACTCCCAAACTAGAAGATGCAATGAAAGAATTCTGCAACCTGTCTCTTTC	2100	2106
2041	TAATATCACCACTCCCAAACTAGAAGATGCAATGAAAGAATTCTGCAACCTGTCTCTTTC	2100	2106
2101		2160	2166
2101	AGAGAGATCCCGGCAGTCTTACCTCATCGGACTCACCCTTCTGCACTACATCTTA	2160	2166

2161	CAACTTCACAGACAAGGTGTTTTTCCCGAGGAAAGATCAAAAGCCAGTAGAAAAGATGAT	2220	2226
2161	CAACTTCACAGACAAGGTGTTTTTCCCGAGGAAAGATCAAAAGCCAGTAGAAAAGATGAT  O O O O O O O	2220	2226
2221		2280	2286
2221	GGAGCTCTTCATAAGACTAAAAGAGATTCTCAATCAGATGGCTTCTGGCACACATCCGCT  O O O O O O	2280	2286
2281		2340	2346
2281	GCTAGACAAAATGAGATCCCTGAAGCAAATGCATCTGCCCAGAAGTGTTCCATTAACACA  OOOOOOOOOOOOOOOOOOOOO	2340	2346
2341		2400	2406
2341	GGCAATGTACAGAAGCAACCGAATGAACACACCACAAGGATCATTTAGCACCATCTCCCA  O O O O O O	2400	2406
2401		2460	2466
2401	AGCATTATGTTCTCAAGGAATTACCACTGAATATTTAACTGCCATGCTGCCCTCTTCCCA	2460	2466
2461	GAGGCCAAAAGGCAACCACCAAGGATTTTTTGACTTATAAATTAACTAAAGAGCAAAT	2520	2526
2461	GAGGCCAAAAGGCAACCACACCAAGGATTTTTTGACTTATAAATTAACTAAAGAGCAAAT  OOOOOOOOOOOOOOOO	2520	2526
2521	TGCTTCAAAATATGGAATTCCCATAAATACCACACCATTTTGCTTCTCCCTTTATAAAGA	2580	2586
2521	TGCTTCAAAATATGGAATTCCCATAAATACCACACCATTTTGCTTCTCCCTTTATAAAGA	2580	2586
2581		2640	2646
2581	CATCATTAACATGCCCGCTGGACCTGTGATTTGGGCTTTCTTGAAACCTATGTTGTTGGG	2640	2646
2641	AAGAATTTTGCATGCACCATATAACCCAGTCACAAAGGCAATAATGGAAAAGTCCAATGT	2700	2706
2641	AAGAATTTTGCATGCACCATATAACCCAGTCACAAAGGCAATAATGGAAAAGTCCAATGT	2700	2706

2701	AACTCTGAGACAGCTGGCGGAATTAAGAGAAAAATCTCAAGAGTGGATGGA	2760	2766
2701	AACTCTGAGACAGCTGGCGGAATTAAGAGAAAAATCTCAAGAGTGGATGGA	2760	2766
2761	ACTTTTCATGAATTCCTTCCATCTGTTAAACCAGGCAATTCCAATGCTCCAGAATACTCT	2820	2826
2761		2820	2826
2821	AAGGAACCCTTTTGTGCAAGTTTTTGTAAAGTTCTCCGTGGGACTCGATGCTGTTGAACT	2880	2886
2821	AAGGAACCCTTTTGTGCAAGTTTTTGTAAAGTTCTCCGTGGGACTCGATGCTGTTGAACT  o o o o o o o	2880	2886
2881	ATTGAAACAGATAGATGAACTCGATATTCTAAGACTGAAATTAGAGAACAACATTGACAT	2940	2946
2881	ATTGAAACAGATAGATGAACTCGATATTCTAAGACTGAAATTAGAGAACAACATTGACAT  o o o o o o o o	2940	2946
2941	CATCGATCAGCTTAACACACTATCTTCCCTGACAGTAAATATTTCCTCTTGTGTATTATA	3000	3006
	CATCGATCAGCTTAACACACTATCTTCCCTGACAGTAAATATTTCCTCTTGTGTATTATA  o o o o o o o o		3006
3001			3066
3001	TGACCGTATTCAGGCAGCAAAAACCATAGATGAAATGGAGAGAGA	3060	3066
3061	CAAAAGCAACGAACTCTTTGGAAGTGTTATTTTTAAGCTTCCTTC	3120	3126
3061	CAAAAGCAACGAACTCTTTGGAAGTGTTATTTTTAAGCTTCCTTC	3120	3126
3121	CAGAGGCTATGACTCTGGAAATGTCTTTCTTCCTCCTGTCATAAAATATACCATCCGGAT	3180	3186
3121	CAGAGGCTATGACTCTGGAAATGTCTTTCTTCCTCCTGTCATAAAATATACCATCCGGAT	3180	3186
3181	GAGTCTCAAGACCGCACAGACCACAAGAAGCCTAAGAACCAAGATTTGGGCTCCAGGGCC	3240	3246
3181	GAGTCTCAAGACCGCACAGACCACAAGAAGCCTAAGAACCAAGATTTGGGCTCCAGGGCC	3240	3246

3241	ACACAATTCTCCATCACACAACCAGATCTATGGCAGGGCTTTTATTTA	3300	3306
3241	ACACAATTCTCCATCACAACCAGATCTATGGCAGGGCTTTTATTTA	3300	3306
	0 0 0 0 0		
3301		3360	3366
3301		3300	3300
3301	TATTGAAAGAGCAATCATTGAATTGCAAACTGGAAGGAACTCCCAGGAAATAGCAGTCCA	3360	3366
3361	GGTTCAAGCAATTCCTTATCCCTGCTTCATGAAAGACAACTTCCTAACCAGTGTCTCTTA	3420	3426
2264			
3361	$ \begin{array}{cccccccccccccccccccccccccccccccccccc$	3420	3426
3421	TTCTCTTCCAATTGTGCTTATGGTTGCCTTGGTATTTATAGCTGCCTTTGTAAAAA	3480	3486
3421	TTCTCTTCCAATTGTGCTTATGGTTGCCTGGGTTGTATTATAGCTGCCTTTGTAAAAA	3480	3486
	0 0 0 0 0		
2401		2540	2546
3481	GCTTGTCTATGAGAAAGACCTCCGGCTTCATGAGTACATGAAGATGATGGGTGTGAACTC	3540	3546
3481	${\tt GCTTGTCTATGAGAAAGACCTCCGGCTTCATGAGTACATGAAGATGATGGGTGTGAACTC}$	3540	3546
3541		3600	3606
3541	$ \begin{array}{cccccccccccccccccccccccccccccccccccc$	3600	3606
3601	${\tt GATCCTCATCATTATACTCAAGTTTGGCAATATTCTTCCTAAAACAAATGGGTTCATTTT}$	3660	3666
3601	GATCCTCATCATTATACTCAAGTTTGGCAATATTCTTCCTAAAACAAATGGGTTCATTTT	3660	3666
3001	0 0 0 0 0 0 0	3000	3000
2661	<u> </u>		
3661	GTTCCTGTATTTTCGGACTACAGCTTCTCGGTTATTGCCATGAGCTATCTTATCAGTGT	3720	3726
3661	GTTCCTGTATTTTCGGACTACAGCTTCTCGGTTATTGCCATGAGCTATCTTATCAGTGT	3720	3726
	0 0 0 0 0		
3721		3780	3786
J. 21		3700	3700
3721	$\tt CTTCTTCAACAACACCAACATTGCAGCTCTGATCGGAAGCCTCATCTACATCATTGCCTT$	3780	3786

3781	CTTTCCATTTATTGTTCTGGTTACAGTGGAGAATGAGTTGAGCTATGTATTGAAAGTGTT	3840	3846
3781	CTTTCCATTTATTGTTCTGGTTACAGTGGAGAATGAGTTGAGCTATGTATTGAAAGTGTT  o  o  o  o	3840	3846
3841	CATGAGCCTGCTGTCCCCAACAGCATTCAGCTATGCAAGCCAATACATTGCACGATACGA	3900	3906
3841	CATGAGCCTGCTCCCCAACAGCATTCAGCTATGCAAGCCAATACATTGCACGATACGA   O O O O O O O O O O O O O O O O O O	3900	3906
3901	AGAACAGGGCATTGGTCTTCAGTGGGAAAATATGTACACCTCCCCGGTTCAGGATGACAC	3960	3966
3901	AGAACAGGGCATTGGTCTTCAGTGGGAAAATATGTACACCTCCCCGGTTCAGGATGACAC	3960	3966
3961	CACCTCATTTGGCTGGCTGTCTAATCCTAGCTGACTCTTTCATTTATTT	4020	4026
3961	$ \begin{array}{cccccccccccccccccccccccccccccccccccc$	4020	4026
4021	TGCTTGGTATGTCAGGAATGTCTTCCCAGGGACATACGGTATGGCAGCTCCCTGGTATTT	4080	4086
4021	$ \begin{array}{cccccccccccccccccccccccccccccccccccc$	4080	4086
4081	TCCAATTCTTCCTACTGGAAGGAGCGATTTGGGTGTGCAGAGGTGAAGCCTGAGAA	4140	4146
4081	$ \begin{array}{cccccccccccccccccccccccccccccccccccc$	4140	4146
4141	GAGCAATGGCCTCATGTTTACTAACATCATGATGCAGAACACCAACCCATCTGCCAGTCC	4200	4206
4141	GAGCAATGGCCTCATGTTTACTAACATCATGATGCAGAACACCAACCCATCTGCCAGTCC  o o o o o o o	4200	4206
4201	TGAATACATGTTTTCCTCTAACATCGAGCCTGAACCTAAAGATCTCACAGTCGGGGTTGC	4260	4266
4201	TGAATACATGTTTTCCTCTAACATCGAGCCTGAACCTAAAGATCTCACAGTCGGGGTTGC	4260	4266
4261	CCTGCATGGGGTCACAAAGATCTATGGCTCAAAAGTTGCTGTTGATAACCTCAATCTGAA	4320	4326
4261	CCTGCATGGGGTCACAAAGATCTATGGCTCAAAAGTTGCTGTTGATAACCTCAATCTGAA	4320	4326

4321	CTTTTATGAAGGGCATATTACTTCATTGCTGGGGCCCAATGGAGCTGGGAAAACTACTAC	4380	4386
4321	CTTTTATGAAGGGCATATTACTTCATTGCTGGGGCCCAATGGAGCTGGGAAAACTACTAC	4380	4386
4381	CATTTCCATGTTAACTGGGCTGTTTGGGGCCTCAGCAGGCACCATTTTTGTATATGGAAA	4440	4446
4381	CATTTCCATGTTAACTGGGCTGTTTGGGGCCTCAGCAGGCACCATTTTTGTATATGGAAA	4440	4446
4441	AGATATCAAAACAGACCTACACAGGTACGGAAGAACATGGGAGTCTGTATGCAGCACGA	4500	4506
4441	AGATATCAAAACAGACCTACACACGGTACGGAAGAACATGGGAGTCTGTATGCAGCACGA	4500	4506
4501	CGTCTTGTTCAGTTACCTCACTACTAAGGAGCACCTTCTCCTATATGGTTCCATCAAAGT	4560	4566
4501	CGTCTTGTTCAGTTACCTCACTACTAAGGAGCACCTTCTCCTATATGGTTCCATCAAAGT	4560	4566
4561	TCCTCACTGGACTAAAAAGCAGCTCCACGAGGAAGTAAAAAGGACTTTAAAAGATACTGG	4620	4626
4561	TCCTCACTGGACTAAAAAGCAGCTCCACGAGGAAGTAAAAAGGACTTTAAAAGATACTGG o o o o o	4620	4626
4621	ACTATATAGCCATCGTCATAAGAGAGTTGGAACACTGTCAGGAGGCATGAAGAGGAAGTT	4680	4686
4621	ACTATATAGCCATCGTCATAAGAGAGTTGGAACACTGTCAGGAGGCATGAAGAGGAAGTT	4680	4686
4681	ATCTATATCCATAGCTCTCATTGGTGGATCAAGGGTAGTAATTTTGGATGAACCATCTAC	4740	4746
4681	ATCTATATCCATAGCTCTCATTGGTGGATCAAGGGTAGTAATTTTGGATGAACCATCTAC  o o o o o o o o o o o o o o o o o o o	4740	4746
4741	TGGAGTTGACCCATGTTCTCGCCGAAGTATATGGGATGTTATATCCAAGAACAAAACTGC	4800	4806
4741	TGGAGTTGACCCATGTTCTCGCCGAAGTATATGGGATGTTATATCCAAGAACAAAACTGC	4800	4806
4801	CAGAACAATCATTCTGTCAACGCACCACTTGGACGAGGCTGAAGTGCTGAGTGACCGCAT	4860	4866
4801	CAGAACAATCATTCTGTCAACGCACCACTTGGACGAGGCTGAAGTGCTGAGTGACCGCAT	4860	4866

4861	CGCCTTCCTGGAGCAGGGTGGGCTTAGGTGCTGTGGGTCCCCATTTTACCTCAAGGAAGC	4920	4926
4861	CGCCTTCCTGGAGCAGGGTGGGCTTAGGTGCTGTGGGTCCCCATTTTACCTCAAGGAAGC  O O O O O O	4920	4926
4921		4980	4986
4921	CTTTGGCGATGGGTATCACCTCACGCTTACCAAGAAGA	4958 °	4964
4981		5040	5046
4959		4958 °	4964
5041		5100	5106
4959		4958 °	4964
5101		5160	5166
4959		4958 °	4964
5161		5220	5226
4959	AGGTCTTTCTGAACTTGACCAAAGA	4983	4989
5221		5280	5286
4984	GTCACAAAAAATAGTGCTATGAGTCTTGAGCACTTAACACAAAAGAAAATTGGGAATTC	5043	5049
5281		5340	5346
5044	CAATGCCAATGGCATCTCAACTCCTGACGATTTATCTGTGAGCAGCAGCAATTTCACAGA  O O O O O	5103	5109
5341	CAGAGATGACAAAATCCTGACAAGAGGAGAGAGAGGCTGGATGGCTTTGGACTGTTGCTGAA	5400	5406
5104	CAGAGATGACAAAATCCTGACAAGAGGAGAGGGCTGGATGGCTTTGGACTGTTGCTGAA	5163	5169

5401	GAAGATCATGGCTATACTCATCAAGAGGTTCCACCACACCCGCAGGAACTGGAAAGGTCT	5460	5466
5164		5223	5229
5461	CATTGCTCAGGTTATCCTCCCCATCGTCTTTGTTACCACTGCCATGGCCTTGGCACACT	5520	5526
5224	$ \begin{array}{cccccccccccccccccccccccccccccccccccc$	5283	5289
5521	GAGAAATTCCAGCAACAGTTATCCAGAGATTCAGATCTCCCCCTCTCTTTATGGTACCTC	5580	5586
5284	GAGAAATTCCAGCAACAGTTATCCAGAGATTCAGATCTCCCCCTCTCTTTATGGTACCTC  o o o o o o o o o o o o o o o o o o o	5343	5349
5581	CGAACAGACAGCCTTCTATGCTAATTATCACCCGAGCACGGAAGCACTTGTCTCAGCAAT	5640	5646
5344	CGNACAGACAGCCTTCTATGCTAATTATCACCCGAGCACGGAAGCACTTGTCTCAGCAAT o o o o o o o	5403	5409
5641	GTGGGACTTCCCTGGAATTGACAACATGTGTCTGAACACCAGTGATCTACAGTGTTTAAA	5700	5706
5404	GTGGGACTTCCCTGGAATTGACAACATGTGTCTGAACACCAGTGATCTACAGTGTTTAAA  O O O O O O O O O O O O O O O O	5463	5469
5701	CAAAGACAGTCTGGAAAAATGGAACACCAGTGGAGAACCCATCACTAATTTTGGTGTTTG	5760	5766
5464	CAAAGACAGTCTGGAAAAATGGAACACCAGTGGAGAACCCATCACTAATTTTGGTGTTTTG	5523	5529
5761	CTCCTGCTCAGAAAATGTCCAGGAATGTCCTAAATTTAACTATTCCCCACCGCACAGAAG	5820	5826
	CTCCTGCTCAGAAAATGTCCAGGAATGTCCTAAATTTAACTATTCCCCACCGCACAGAAG  O O O O O O O O O O O O O O O O O		5589
5821	AACTTACTCATCCCAGGTAATTTATAACCTCACTGGGCAACGAGTGGAAAATTATCTTAT	5880	5886
5584	AACTTACTCATCCCAGGTAATTTATAACCTCACTGGGCAACGAGTGGAAAATTATCTTAT	5643	5649
5881	ATCAACTGCAAATGAGTTTGTCCAAAAAAGATATGGAGGTTGGAGTTTTGGGCTGCCTTT	5940	5946
5644	ATCAACTGCAAATGAGTTTGTCCAAAAAAGATATGGAGGTTGGAGTTTTGGGCTGCCTTT	5703	5709

5941	GACAAAAGACCTTCGTTTTGATATAACAGGAGTCCCTGCCAATAGAACACTTGCCAAGGT	6000	6006
5704	GACAAAAGACCTTCGTTTTGATATAACAGGAGTCCCTGCCAATAGAACACTTGCCAAGGT	5763	5769
6001	ATGGTATGATCCAGAAGGCTATCACTCCCTTCCAGCTTACCTCAACAGCCTGAATAATTT	6060	6066
5764	ATGGTATGATCCAGAAGGCTATCACTCCCTTCCAGCTTACCTCAACAGCCTGAATAATTT	5823	5829
6061	CCTTCTGCGAGTTAACATGTCAAAATACGATGCTGCCCGACATGGCATCATCATGTATAG	6120	6126
5824	CCTTCTGCGAGTTAACATGTCAAAATACGATGCTGCCCGACATGGCATCATCATGTATAG	5883	5889
6121	CCATCCTTATCCAGGAGTGCAAGACCAAGAACAAGCCACAATCAGCAGTTTAATCGATAT	6180	6186
5884	CCATCCTTATCCAGGAGTGCAAGACCAAGAACAAGCCACAATCAGCAGTTTAATCGATAT	5943	5949
6181	TTTAGTGGCACTGTCTATCTTGATGGGCTACTCTGTCACCACCGCCAGCTTTGTCACCTA	6240	6246
5944	TTTAGTGGCACTGTCTATCTTGATGGGCTACTCTGTCACCACCGCCAGCTTTGTCACCTA	6003	6009
6241	TGTTGTAAGGGAACATCAAACCAAAGCCAAACAGTTGCAGCACATTTCAGGCATTGGCGT	6300	6306
6004	TGTTGTAAGGGAACATCAAACCAAAGCCAAACAGTTGCAGCACATTTCAGGCATTGGCGT	6063	6069
6301	GACATGCTACTGGGTAACAAACTTCATTTATGACATGGTTTTCTACTTGGTGCCTGTAGC	6360	6366
6064	GACATGCTACTGGGTAACAAACTTCATTTATGACATGGTTTTCTACTTGGTGCCTGTAGC	6123	6129
6361	GTTTTCAATTGGTATCATTGCGATTTTCAAATTACCTGCATTCTACAGTGAAAACAACCT	6420	6426
6124	GTTTTCAATTGCGATTTTCAAATTACCTGCATTCTACAGTGAAAACAACCT	6183	6189
6421	AGGCGCTGTATCTCCTACTTCTCCTGTTTGGGCATGCAACATTTTCCTGGATGTACTT	6480	6486
6184	${\tt AGGCGCTGTATCTCCTACTTCTCCTGTTTGGGCATGCAACATTTTCCTGGATGTACTT}$	6243	6249

	·		
6481	GCTGGCTGGGCTCTTCCATGAAACAGGAATGGCCTTCATCACTTACGTCTGTCAACTT	6540	6546
6244	GCTGGCTGGGCTCTTCCATGAAACAGGAATGGCCTTCATCACTTACGTCTGTCT	6303	6309
6541	GTTTTTTGGCATTAATTCCATTGTTTCCTGTCAGTGGTATACTTTCTTT	6600	6606
6304	GTTTTTTGGCATTAATTCCATTGTTTCCTGTCAGTGGTATACTTTCTTT	6363	6369
6601	GCCTAATGATCCGACTTTAGAACTTATTTCTGAAACCCTCAAGCGCATTTTCCTGATTTT	6660	6666
6364	GCCTAATGATCCGACTTTAGAACTTATTTCTGAAACCCTCAAGCGCATTTTCCTGATTTT	6423	6429
6661	CCCACAATTCTGTTTTGGCTACGGTTTGATTGAACTTTCTCAACAACAGTCGGTCCTAGA	6720	6726
6424	CCCACAATTCTGTTTTGGCTACGGTTTGATTGAACTTTCTCAACAACAGTCGGTCCTAGA	6483	6489
6721	CTTCTTAAAAGCATATGGAGTGGAATACCCAAATGAAACCTTTGAGATGAATAAACTAGG	6780	6786
6484	CTTCTTAAAAGCATATGGAGTGGAATACCCAAATGAAACCTTTGAGATGAATAAACTAGG	6543	6549
6781	TGCAATGTTTGTGGCTTTGGTTTCTCAGGGCACCATGTTTTTTTCCTTGCGACTCTTAAT	6840	6846
6544	TGCAATGTTTGTGGCTTTCTCAGGGCACCATGTTTTTTTCCTTGCGACTCTTAAT	6603	6609
6841	CAACGAATCCCTGATAAAGAAACTCAGGCTTTTCTTCAGAAAATTTAATTCTTCACATGT	6900	6906
6604	CAACGAATCCCTGATAAAGAAACTCAGGCTTTTCTTCAGAAAATTTAATTCTTCACATGT	6663	6669
6901	AAGGGAGACAATAGATGAGGATGAAGATGTGCGGGCTGAGAGATTAAGAGTTGAGAGTGG	6960	6966
6664	AAGGGAGACAATAGATGAGGATGAAGATGTGCGGGCTGAGAGATTAAGAGTTGAGAGTGG	6723	6729
6961	TGCAGCTGAATTTGACTTGGTCCAACTTTATTGTCTCACAAAGACCTACCAACTTATCCA	7020	7026
6724	TGCAGCTGAATTTGACTTGGTCCAACTTATTGTCTCACAAAGACCTACCAACTTATCCA	6783	6789

7021	CAAAAGATTATAGCTGTAAACAACATCAGCATCGGGATACCTGCTGGAGAGTGTTTTGG	7080	7086
	CAAAAAGATTATAGCTGTAAACAACATCAGCATCGGGATACCTGCTGGAGAGTGTTTTGG  O O O O O O O O O O O O O O O		6849
	GCTTCTTGGAGTGAATGGAGCAGGAAAGACCACTATATTCAAGATGCTGACAGGAGACAT		7146
	GCTTCTTGGAGTGAATGGAGCAGGAAAGACCACTATATTCAAGATGCTGACAGGAGACAT  o o o o o o o o o		6909
7141	CATTCCTTCAAGTGGAAACATTCTGATCAGAAATAAGACCGGATCTCTGGGTCACGTTGA	7200	7206
6904	$ \begin{array}{cccccccccccccccccccccccccccccccccccc$	6963	6969
7201	TTCTCACAGCTCATTAGTTGGCTACTGTCCTCAGGAAGATGCCTTAGATGACCTGGTAAC	7260	7266
6964	TTCTCACAGCTCATTAGTTGGCTACTGTCCTCAGGAAGATGCCTTAGATGACCTGGTAAC  o o o o o o o o o o o o o o o o o o o	7023	7029
7261	TGTGGAAGAACATTTGTATTTCTATGCCAGGGTACATGGAATTCCAGAAAAGGATATTAA	7320	7326
7024	TGTGGAAGAACATTTGTATTTCTATGCCAGGGTACATGGAATTCCAGAAAAGGATATTAA	7083	7089
7321	AGAAACTGTTCATAAACTCCTTAGGAGACTTCACCTGATGCCCTTCAAGGACAGAGCTAC	7380	7386
	$\begin{array}{cccccccccccccccccccccccccccccccccccc$		7149
7381	CTCTATGTGCAGTTATGGCACAAAAAGAAAATTATCCACTGCACTGGCCTTGATAGGGAA	7440	7446
	$ \begin{array}{cccccccccccccccccccccccccccccccccccc$		7209
7441	ACCTTCCATTCTACTGCTGGATGAGCCGAGCTCTGGCATGGATCCGAAGTCGAAACGGCA	7500	7506
	ACCTTCCATTCTACTGCTGGATGAGCCGAGCTCTGGCATGGATCCGAAGTCGAAACGGCA		7269
7501	CCTCTGGAAGATCATTTCAGAAGAAGTACAGAACAAATGTTCCGTCATCCTCACATCTCA	7560	7566
7264	$\tt CCTCTGGAAGATCATTTCAGAAGAAGTACAGAACAAATGTTCCGTCATCCTCACATCTCA$	7323	7329

7561	CAGCATGGAAGAATGTGAAGCTCTCTGTACCAGGTTGGCCATTATGGTGAATGGAAAGTT	7620	7626
7324	CAGCATGGAAGATGTGAAGCTCTCTGTACCAGGTTGGCCATTATGGTGAATGGAAAGTT  O O O O O O O O O O O O O O O O O O	7383	7389
7621	TCAATGTATTGGATCTTTGCAGCACATAAAGAGCAGGTTTGGACGAGGATTTACTGTCAA	7680	7686
7384	$ \begin{array}{cccccccccccccccccccccccccccccccccccc$	7443	7449
7681	AGTTCACTTGAAGAATAACAAAGTGACCATGGAGACCCTCACAAAGTTCATGCAGCTGCA	7740	7746
7444	AGTTCACTTGAAGAATAACAAAGTGACCATGGAGACCCTCACAAAGTTCATGCAGCTGCA	7503	7509
7741	CTTTCCAAAAACATACTTAAAAGATCAGCACCTCAGCATGCTAGAGTATCATGTACCAGT	7800	7806
7504	CTTTCCAAAAACATACTTAAAAGATCAGCACCTCAGCATGCTAGAGTATCATGTACCAGT	7563	7569
7801	CACAGCAGGAGGAGTCGCAAACATTTTTGATCTGCTGGAAACCAACAAGACTGCTTTAAA	7860	7866
	CACAGCAGGAGGAGTCGCAAACATTTTTGATCTGCTGGAAACCAACAAGACTGCTTTAAA  O O O O O O O O O O O O O O O O O O		7629
7861	TATTACAAATTTCTTAGTGAGTCAGACCACTCTGGAAGAGGTTTTCATCAACTTTGCCAA	7920	7926
	TATTACAAATTTCTTAGTGAGTCAGACCACTCTGGAAGAGGTTTTCATCAACTTTGCCAA o o o o o o o		7689
7921	AGACCAGAAGTCCTATGAAACTGCTGATACCAGCAGCCAAGGTTCCACTATAAGTGTTGA	7980	7986
	AGACCAGAAGTCCTATGAAACTGCTGATACCAGCAGCCAAGGTTCCACTATAAGTGTTGA		7749
7981	CTCACAAGATGACCAGATGGAGTCTTAACACTTCCAGCAAACTCAATCTCAGCGTGTGAC	8040	8046
7744	CTCACAAGATGACCAGATGGAGTCTTAACACTTCCAGCAAACTCAATCTCAGCGTGTGAC	7803	7809
8041	CAATGGCTTCATTTTGAAGAAAAGCCACAGAAGATACACTTCCGCAAGATATCTTCATTT	8100	8106
7804	CAATGGCTTCATTTTGAAGAAAAGCCACAGAAGATACACTTCCGCAAGATATCTTCATTT	7863	7869

8101	TAAAGTAAAGTAATATACTGTATGGAAAGTTACAACTGTGTTAGACTAACAAGTAATTAT	8160	8166
7864	TAAAGTAAAGTAATATACTGTATGGAAAGTTACAACTGTGTTAGACTAACAAGTAATTAT o o o o o o o	7923	7929
8161	AAAAGGAAATTTTTCCTTCTAAGGTCAGTGAGTGTTGTTGCTACTGAAATGAATTCCTGT	8220	8226
7924	AAAAGGAAATTTTTCCTTCTAAGGTCAGTGAGTGTTGTTGCTACTGAAATGAATTCCTGT  o o o o o o  · · · · · · · · · · · · ·	7983	7989
8221	ATACTCAACACTGTGAGCATGCTAATGTATATGCTGGTGATTCTTATGCAAAGGTGAAGC	8280	8286
7984	ATACTCAACACTGTGAGCATGCTAATGTATATGCTGGTGATTCTTATGCAAAGGTGAAGC	8043	8049
8281	CACCTCAAGATGAATATCTTAATTTATTACTTTCAATAAAAGACAGTTTAAAAGGCATG	8340	8346
8044	CACCTCAAGATGAATATCTTAATTTATTACTTTCAATAAAAGACAGTTTAAAAGGCATG	8103	8109
8341	GATTTTGGTAGTTGAAATATAAGAGTGGAGAAGAAAAGTCAGATGGTTTGTGGCAGGTGC	8400	8406
	GATTTTGGTAGTTGAAATATAAGAGTGGAGAAGAAAAGTCAGATGGTTTGTGGCAGGTGC  o o o o o o o		8169
	CACCGGGCAAGCAGACATAATTTATTTCCAGAAAACAACAGAATGAACATCATCATG		8466
	CACCGGGCAAGCAGACATAATTTATTTCCAGAAAACAACAGAATGAACATCATCATG		8229
8461	AATACATGAATCGGCTGTGATGTGTGAACTGCTAAGGGCCAAATGAACGTTTGNAGAGCA	8520	8526
	AATACATGAATCGGCTGTGATGTGAACTGCTAAGGGCCCAAATGAACGTTTGNAGAGCA  o o o o o o		8289
8521	GTGGGCACAATGTTTACAATGTATGNGTATGTCACTTTCGGTACCNGTGAATGCATGGGG	8580	8586
	GTGGGCACAATGTTTACAATGTATGNGTATGTCACTTTCGGTACCNGTGAATGCATGGGG		8349
	ACGTGCTGAACCCGAAAAAAGTGCCTTTCCATAAGGACTGCAATAGAGAGGGCAATTTA		8646
8344	ACGTGCTGAACCCGAAAAAAAGTGCCTTTCCATAAGGACTGCAATAGAGAGGGCAATTTA	8403	8409

	CCCTGGTGGTACACGGAACCTAGATTCACTCCTGCCATNCCTTGCCAATAGTAAGCTGCA		8706
8404	CCCTGGTGGTACACGGAACCTAGATTCACTCCTGCCATNCCTTGCCAATAGTAAGCTGCA	8463	8469
8701	GGGTGGAACAAGAAATCACTTGCTCTGGGGGGAAGGGAGGG	8760	8766
8464	$ \begin{array}{cccccccccccccccccccccccccccccccccccc$	8523	8529
8761	GGGTAGATACAAACCCTGAAAAGAGAATCCATGTGCTNCTGGCAGGCAACATTTTTTAAA	8820	8826
8524	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		8589
8821	GCTCTTTCAGAAACCCTCATATTTGGGGTTTCTTTTCAGGAAACATTCCTGTGGAGGGAA	8880	8886
8584	GCTCTTTCAGAAACCCTCATATTTGGGGTTTCTTTTCAGGAAACATTCCTGTGGAGGGAA  O O O O O O O O O O O O O O O	8643	8649
8881	AACGAATATGAAGATAATTTTCAGCTAATTATCTGGGTGACCCAGAATCGTGTATATGGC	8940	8946
8644	$ \begin{array}{cccccccccccccccccccccccccccccccccccc$	8703	8709
8941	TATAGGATAGACTTCTTAATAATGGCAAGTGACGTGGCCCTGGGGAAAGGTGCTTTATGT	9000	9006
8704	$ \begin{array}{cccccccccccccccccccccccccccccccccccc$	8763	8769
9001	ACCGTGTGTGCGTGTATGTGTGTGTATCTATACAAGTTTGTCAGCTTTGGCATGACTGTT	9060	9066
8764	$ \begin{array}{cccccccccccccccccccccccccccccccccccc$	8823	8829
9061	TGTCTCGAAAACCAATAAACTCAAAGTTTAGAAAAAACTCAAAAAAAA		9118
8824	TGTCTCGAAAACCAATAAACTCAAAGTTTAGAAAAAACTCAAAAAAAA		8881



1	METALASERLEUPHEHISGLNLEUGLNILELEUVALTRPLYSASNTRPLEUGLYVALLYS	60	66
1	METALASERLEUPHEHISGLNLEUGLNILELEUVALTRPLYSASNTRPLEUGLYVALLYS	60	66
61	ARGGLNPROLEUTRPTHRLEUVALLEUILELEUTRPPROVALILEILEPHEILEILELEU	120	126
61	ARGGLNPROLEUTRPTHRLEUVALLEUILELEUTRPPROVALILEILEPHEILEILELEU	120	126
121	ALAILETHRARGTHRLYSPHEPROPROTHRALALYSPROTHRCYSTYRLEUALAPROARG	180	186
121	ALAILETHRARGTHRLYSPHEPROPROTHRALALYSPROTHRCYSTYRLEUALAPROARG	180	186
181	ASNLEUPROSERTHRGLYPHEPHEPROPHELEUGLNTHRLEULEUCYSASPTHRASPSER	240	246
181	ASNLEUPROSERTHRGLYPHEPHEPROPHELEUGLNTHRLEULEUCYSASPTHRASPSER	240	246
241	LYSCYSLYSASPTHRPROTYRGLYPROGLNASPLEULEUARGARGLYSGLYILEASPASP	300	306
241	LYSCYSLYSASPTHRPROTYRGLYPROGLNASPLEULEUARGARGLYSGLYILEASPASP	300	306
301	ALALEUPHELYSASPSERGLUILELEUARGLYSSERSERASNLEUASPLYSASPSERSER	360	366
301	ALALEUPHELYSASPSERGLUILELEUARGLYSSERSERASNLEUASPLYSASPSERSER	360	366
361	LEUSERPHEGLNSERTHRGLNVALPROGLUARGARGHISALASERLEUALATHRVALPHE	420	426
361	LEUSERPHEGLNSERTHRGLNVALPROGLUARGARGHISALASERLEUALATHRVALPHE	420	426
421	PROSERPROSERSERASPLEUGLUILEPROGLYTHRTYRTHRPHEASNGLYSERGLNVAL	480	486
421	PROSERPROSERSERASPLEUGLUILEPROGLYTHRTYRTHRPHEASNGLYSERGLNVAL	480	486
481	LEUALAARGILELEUGLYLEUGLULYSLEULEULYSGLNASNSERTHRSERGLUASPILE	540	546
481	LEUALAARGILELEUGLYLEUGLULYSLEULEULYSGLNASNSERTHRSERGLUASPILE  O O O O O	540	546

541	ARGARGGLULEUCYSASPSERTYRSERGLYTYRILEVALASPASPALAPHESERTRPTHR	600	606
541	ARGARGGLULEUCYSASPSERTYRSERGLYTYRILEVALASPASPALAPHESERTRPTHR  o  o  o  o	600	606
601	PHELEUGLYARGASNVALPHEASNLYSPHECYSLEUSERASNMETTHRLEULEUGLUSER	660	666
601	PHELEUGLYARGASNVALPHEASNLYSPHECYSLEUSERASNMETTHRLEULEUGLUSER  O O O O	660	666
661	SERLEUGLNGLULEUASNLYSGLNPHESERGLNLEUSERSERASPPROASNASNGLNLYS	720	726
661	SERLEUGLNGLULEUASNLYSGLNPHESERGLNLEUSERSERASPPROASNASNGLNLYS  O O O O	720	726
721		780	786
721		780	786
781		840	846
781	ALAVALTRPGLNLEULEUSERSERPHEPROASNVALPHEGLNASNASPTHRSERLEUSER	840	846
841		900	906
841	ASNLEUPHEASPVALLEUARGLYSALAASNSERVALLEULEUVALVALGLNLYSVALTYR	900	906
901	PROARGPHEALATHRASNGLUGLYPHEARGTHRLEUGLNLYSSERVALLYSHISLEULEU	960	966
901	PROARGPHEALATHRASNGLUGLYPHEARGTHRLEUGLNLYSSERVALLYSHISLEULEU  O O O O O	960	966
961	TYRTHRLEUASPSERPROALAGLNGLYASPSERASPASNILETHRHISVALTRPASNGLU	1020	1026
961	TYRTHRLEUASPSERPROALAGLNGLYASPSERASPASNILETHRHISVALTRPASNGLU  O O O O O	1020	1026
1021		1080	1086
1021	ASPASPGLYGLNTHRLEUSERPROSERSERLEUALAALAGLNLEULEUILELEUGLUASN	1080	1086

1081	PHEGLUASPALALEULEUASNILESERALAASNSERPROTYRILEPROTYRLEUALACYS	1140	1146
1081		1140	1146
		1000	1000
1141	VALARGASNVALTHRASPSERLEUALAARGGLYSERPROGLUASNLEUARGLEULEUGLN	1200	1206
1141	$\begin{array}{cccccccccccccccccccccccccccccccccccc$	1200	1206
1001		1260	1266
1201			1266
1201	SERTHRILEARGPHELYSLYSSERPHELEUARGASNGLYSERTYRGLUASPTYRPHEPRO  o o o o o	1260	1266
1261	PROVALPROGLUVALLEULYSSERLYSLEUSERGLNLEUARGASNLEUTHRGLULEULEU	1220	1326
1261	PROVALPROGLUVALLEULYSSERLYSLEUSERGLNLEUARGASNLEUTHRGLULEULEU  o o o o o	1320	1326
1321		1380	1386
			1386
1321	0 0 0 0 0 0 0	1360	1300
1381		1440	1446
1381		1440	1446
1001		1440	1440
1441		1500	1506
1441	THRGLUILEALAALASERLEULEUTYRHISASPASNVALILESERLYSLYSVALARGASP	1500	1506
1501	LEULEUTHRGLYASPPROSERLYSILEASNLEUASNMETASPGLNPHELEUGLUGLNALA	1560	1566
1501		1560	1566
1561	LEUGLNMETASNTYRLEUGLUASNILETHRGLNLEUILEPROILEILEGLUALAMETLEU	1620	1626
1561	LEUGLNMETASNTYRLEUGLUASNILETHRGLNLEUILEPROILEILEGLUALAMETLEU	1620	1626

1621	HISVALASNASNSERALAASPALASERGLULYSPROGLYGLNLEULEUGLUMETPHELYS	1680	1686
1621	HISVALASNASNSERALAASPALASERGLULYSPROGLYGLNLEULEUGLUMETPHELYS  O O O O O	1680	1686
1681	ASNVALGLUGLULEULYSGLUASPLEUARGARGTHRTHRGLYMETSERASNARGTHRILE	1740	1746
1681	ASNVALGLUGLULEULYSGLUASPLEUARGARGTHRTHRGLYMETSERASNARGTHRILE	1740	1746
1741	ASPLYSLEULEUALAILEPROILEPROASPASNARGALAGLUILEILESERGLNVALPHE	1800	1806
1741	ASPLYSLEULEUALAILEPROILEPROASPASNARGALAGLUILEILESERGLNVALPHE	1800	1806
1801	TRPLEUHISSERCYSASPTHRASNILETHRTHRPROLYSLEUGLUASPALAMETLYSGLU	1860	1866
1801	TRPLEUHISSERCYSASPTHRASNILETHRTHRPROLYSLEUGLUASPALAMETLYSGLU  O O O O O O O	1860	1866
1861	PHECYSASNLEUSERLEUSERGLUARGSERARGGLNSERTYRLEUILEGLYLEUTHRLEU	1920	1926
1861	PHECYSASNLEUSERGLUARGSERARGGLNSERTYRLEUILEGLYLEUTHRLEU  o o o o o	1920	1926
1921	LEUHISTYRLEUASNILETYRASNPHETHRASPLYSVALPHEPHEPROARGLYSASPGLN	1980	1986
1921	LEUHISTYRLEUASNILETYRASNPHETHRASPLYSVALPHEPHEPROARGLYSASPGLN  O O O O O O O O	1980	1986
1981	LYSPROVALGLULYSMETMETGLULEUPHEILEARGLEULYSGLUILELEUASNGLNMET	2040	2046
1981	LYSPROVALGLULYSMETMETGLULEUPHEILEARGLEULYSGLUILELEUASNGLNMET  O O O O O O	2040	2046
2041	ALASERGLYTHRHISPROLEULEUASPLYSMETARGSERLEULYSGLNMETHISLEUPRO	2100	2106
2041	ALASERGLYTHRHISPROLEULEUASPLYSMETARGSERLEULYSGLNMETHISLEUPRO  O O O O O O O	2100	2106
2101	ARGSERVALPROLEUTHRGLNALAMETTYRARGSERASNARGMETASNTHRPROGLNGLY	2160	2166
2101	ARGSERVALPROLEUTHRGLNALAMETTYRARGSERASNARGMETASNTHRPROGLNGLY	2160	2166

2161	SERPHESERTHRILESERGLNALALEUCYSSERGLNGLYILETHRTHRGLUTYRLEUTHR	2220	2226
2161	SERPHESERTHRILESERGLNALALEUCYSSERGLNGLYILETHRTHRGLUTYRLEUTHR  o o o o o o	2220	2226
2221	ALAMETLEUPROSERSERGLNARGPROLYSGLYASNHISTHRLYSASPPHELEUTHRTYR	2280	2286
2221	ALAMETLEUPROSERSERGLNARGPROLYSGLYASNHISTHRLYSASPPHELEUTHRTYR  o o o o o o o	2280	2286
2281	LYSLEUTHRLYSGLUGLNILEALASERLYSTYRGLYILEPROILEASNTHRTHRPROPHE	2340	2346
2281	LYSLEUTHRLYSGLUGLNILEALASERLYSTYRGLYILEPROILEASNTHRTHRPROPHE  o o o o o o o	2340	2346
2341	CYSPHESERLEUTYRLYSASPILEILEASNMETPROALAGLYPROVALILETRPALAPHE	2400	2406
2341		2400	2406
2401	LEULYSPROMETLEULEUGLYARGILELEUHISALAPROTYRASNPROVALTHRLYSALA	2460	2466
2401	LEULYSPROMETLEULEUGLYARGILELEUHISALAPROTYRASNPROVALTHRLYSALA  O O O O O O O		2466
2461	ILEMETGLULYSSERASNVALTHRLEUARGGLNLEUALAGLULEUARGGLULYSSERGLN	2520	2526
2461	ILEMETGLULYSSERASNVALTHRLEUARGGLNLEUALAGLULEUARGGLULYSSERGLN	2520	2526
2521	GLUTRPMETASPLYSSERPROLEUPHEMETASNSERPHEHISLEULEUASNGLNALAILE	2580	2586
2521	GLUTRPMETASPLYSSERPROLEUPHEMETASNSERPHEHISLEULEUASNGLNALAILE  O O O O O O O	2580	2586
2581	PROMETLEUGLNASNTHRLEUARGASNPROPHEVALGLNVALPHEVALLYSPHESERVAL	2640	2646
2581	PROMETLEUGLNASNTHRLEUARGASNPROPHEVALGLNVALPHEVALLYSPHESERVAL  o o o o o o	2640	2646
2641	GLYLEUASPALAVALGLULEULYSGLNILEASPGLULEUASPILELEUARGLEULYS	2700	2706
2641	GLYLEUASPALAVALGLULEULYSGLNILEASPGLULEUASPILELEUARGLEULYS	2700	2706

2701	LEUGLUASNASNILEASPILEILEASPGLNLEUASNTHRLEUSERSERLEUTHRVALASN	2760	2766
2701	LEUGLUASNASNILEASPILEILEASPGLNLEUASNTHRLEUSERSERLEUTHRVALASN  O O O O O	2760	2766
2761	ILESERSERCYSVALLEUTYRASPARGILEGLNALAALALYSTHRILEASPGLUMETGLU	2820,	2826
2761	ILESERSERCYSVALLEUTYRASPARGILEGLNALAALALYSTHRILEASPGLUMETGLU  O O O O O O O O	2820	2826
2821	ARGGLUALALYSARGLEUTYRLYSSERASNGLULEUPHEGLYSERVALILEPHELYSLEU	2880	2886
2821	ARGGLUALALYSARGLEUTYRLYSSERASNGLULEUPHEGLYSERVALILEPHELYSLEU  O O O O O O O O	2880	2886
2881	PROSERASNARGSERTRPHISARGGLYTYRASPSERGLYASNVALPHELEUPROPROVAL	2940	2946
2881	PROSERASNARGSERTRPHISARGGLYTYRASPSERGLYASNVALPHELEUPROPROVAL  o o o o o o o	2940	2946
2941	ILELYSTYRTHRILEARGMETSERLEULYSTHRALAGLNTHRTHRARGSERLEUARGTHR	3000	3006
2941	ILELYSTYRTHRILEARGMETSERLEULYSTHRALAGLNTHRTHRARGSERLEUARGTHR  o o o o o o	3000	3006
3001	LYSILETRPALAPROGLYPROHISASNSERPROSERHISASNGLNILETYRGLYARGALA	3060	3066
3001	LYSILETRPALAPROGLYPROHISASNSERPROSERHISASNGLNILETYRGLYARGALA  o o o o o o	3060	3066
3061	PHEILETYRLEUGLNASPSERILEGLUARGALAILEILEGLULEUGLNTHRGLYARGASN	3120	3126
3061	PHEILETYRLEUGLNASPSERILEGLUARGALAILEILEGLULEUGLNTHRGLYARGASN  O O O O O O	3120	3126
3121	SERGLNGLUILEALAVALGLNVALGLNALAILEPROTYRPROCYSPHEMETLYSASPASN	3180	3186
3121	SERGLNGLUILEALAVALGLNVALGLNALAILEPROTYRPROCYSPHEMETLYSASPASN  O O O O O O	3180	3186
3181	PHELEUTHRSERVALSERTYRSERLEUPROILEVALLEUMETVALALATRPVALVALPHE	3240	3246
3181	PHELEUTHRSERVALSERTYRSERLEUPROILEVALLEUMETVALALATRPVALVALPHE	3240	3246

3241	ILEALAALAPHEVALLYSLYSLEUVALTYRGLULYSASPLEUARGLEUHISGLUTYRMET	3300	3306
3241	ILEALAALAPHEVALLYSLYSLEUVALTYRGLULYSASPLEUARGLEUHISGLUTYRMET	3300	3306
3301	LYSMETMETGLYVALASNSERCYSSERHISPHEPHEALATRPLEUILEGLUSERVALGLY	3360	3366
3301	LYSMETMETGLYVALASNSERCYSSERHISPHEPHEALATRPLEUILEGLUSERVALGLY  o o o o o o o o	3360	3366
3361	PHELEULEUVALTHRILEVALILELEUILEILEILELEULYSPHEGLYASNILELEUPRO	3420	3426
3361	PHELEULEUVALTHRILEVALILELEUILEILEILELEULYSPHEGLYASNILELEUPRO  O O O O O O O	3420	3426
3421	LYSTHRASNGLYPHEILELEUPHELEUTYRPHESERASPTYRSERPHESERVALILEALA	3480	3486
3421	LYSTHRASNGLYPHEILELEUPHELEUTYRPHESERASPTYRSERPHESERVALILEALA  o o o o o o o	3480	3486
3481	METSERTYRLEUILESERVALPHEPHEASNASNTHRASNILEALAALALEUILEGLYSER	3540	3546
3481	METSERTYRLEUILESERVALPHEPHEASNASNTHRASNILEALAALALEUILEGLYSER  o o o o o o	3540	3546
3541	LEUILETYRILEILEALAPHEPHEPROPHEILEVALLEUVALTHRVALGLUASNGLULEU	3600	3606
3541	LEUILETYRILEILEALAPHEPHEPROPHEILEVALLEUVALTHRVALGLUASNGLULEU  o o o o o o	3600.	3606
3601	SERTYRVALLEULYSVALPHEMETSERLEULEUSERPROTHRALAPHESERTYRALASER	3660	3666
3601	SERTYRVALLEULYSVALPHEMETSERLEULEUSERPROTHRALAPHESERTYRALASER  O O O O O O O	3660	3666
3661	GLNTYRILEALAARGTYRGLUGLUGLNGLYILEGLYLEUGLNTRPGLUASNMETTYRTHR	3720	3726
3661	GLNTYRILEALAARGTYRGLUGLUGLNGLYILEGLYLEUGLNTRPGLUASNMETTYRTHR  o o o o o o o	3720	3726
3721	SERPROVALGLNASPASPTHRTHRSERPHEGLYTRPLEUCYSCYSLEUILELEUALAASP	3780	3786
3721	SERPROVALGLNASPASPTHRTHRSERPHEGLYTRPLEUCYSCYSLEUILELEUALAASP	3780	3786

3781	SERPHEILETYRPHELEUILEALATRPTYRVALARGASNVALPHEPROGLYTHRTYRGLY	3840	3846
3781	SERPHEILETYRPHELEUILEALATRPTYRVALARGASNVALPHEPROGLYTHRTYRGLY  O O O O O	3840	3846
3841	METALAALAPROTRPTYRPHEPROILELEUPROSERTYRTRPLYSGLUARGPHEGLYCYS	3900	3906
3841	METALAALAPROTRPTYRPHEPROILELEUPROSERTYRTRPLYSGLUARGPHEGLYCYS	3900	3906
3901	ALAGLUVALLYSPROGLULYSSERASNGLYLEUMETPHETHRASNILEMETMETGLNASN	3960	3966
3901	ALAGLUVALLYSPROGLULYSSERASNGLYLEUMETPHETHRASNILEMETMETGLNASN  O O O O O	3960	3966
3961	THRASNPROSERALASERPROGLUTYRMETPHESERSERASNILEGLUPROGLUPROLYS	4020	4026
3961	THRASNPROSERALASERPROGLUTYRMETPHESERSERASNILEGLUPROGLUPROLYS  O O O O O O O O	4020	4026
4021	ASPLEUTHRVALGLYVALALALEUHISGLYVALTHRLYSILETYRGLYSERLYSVALALA	4080	4086
4021	ASPLEUTHRVALGLYVALALALEUHISGLYVALTHRLYSILETYRGLYSERLYSVALALA  O O O O O O O O O O O O O O O O O	4080	4086
4081	VALASPASNLEUASNLEUASNPHETYRGLUGLYHISILETHRSERLEULEUGLYPROASN	4140	4146
4081	VALASPASNLEUASNLEUASNPHETYRGLUGLYHISILETHRSERLEULEUGLYPROASN  o o o o o o o	4140	4146
4141	GLYALAGLYLYSTHRTHRTHRILESERMETLEUTHRGLYLEUPHEGLYALASERALAGLY	4200	4206
4141	GLYALAGLYLYSTHRTHRILESERMETLEUTHRGLYLEUPHEGLYALASERALAGLY	4200	4206
4201	THRILEPHEVALTYRGLYLYSASPILELYSTHRASPLEUHISTHRVALARGLYSASNMET	4260	4266
4201	THRILEPHEVALTYRGLYLYSASPILELYSTHRASPLEUHISTHRVALARGLYSASNMET OOOOOOO	4260	4266
4261	GLYVALCYSMETGLNHISASPVALLEUPHESERTYRLEUTHRTHRLYSGLUHISLEULEU	4320	4326
4261	GLYVALCYSMETGLNHISASPVALLEUPHESERTYRLEUTHRTHRLYSGLUHISLEULEU	4320	4326

4321	LEUTYRGLYSERILELYSVALPROHISTRPTHRLYSLYSGLNLEUHISGLUGLUVALLYS	4380	4386
4321	LEUTYRGLYSERILELYSVALPROHISTRPTHRLYSLYSGLNLEUHISGLUGLUVALLYS	4380	4386
4381	ARGTHRLEULYSASPTHRGLYLEUTYRSERHISARGHISLYSARGVALGLYTHRLEUSER	4440	4446
4381	ARGTHRLEULYSASPTHRGLYLEUTYRSERHISARGHISLYSARGVALGLYTHRLEUSER  o o o o o o o	4440	4446
4441	GLYGLYMETLYSARGLYSLEUSERILESERILEALALEUILEGLYGLYSERARGVALVAL	4500	4506
4441	GLYGLYMETLYSARGLYSLEUSERILESERILEALALEUILEGLYGLYSERARGVALVAL  O O O O O O O O	4500	4506
4501	ILELEUASPGLUPROSERTHRGLYVALASPPROCYSSERARGARGSERILETRPASPVAL	4560	4566
4501	ILELEUASPGLUPROSERTHRGLYVALASPPROCYSSERARGARGSERILETRPASPVAL  O O O O O O O O O O O O O O O O O O	4560	4566
4561	ILESERLYSASNLYSTHRALAARGTHRILEILELEUSERTHRHISHISLEUASPGLUALA	4620	4626
4561	ILESERLYSASNLYSTHRALAARGTHRILEILELEUSERTHRHISHISLEUASPGLUALA  O O O O O O O	4620	4626
4621	GLUVALLEUSERASPARGILEALAPHELEUGLUGLNGLYGLYLEUARGCYSCYSGLYSER	4680	4686
4621	GLUVALLEUSERASPARGILEALAPHELEUGLUGLNGLYGLYLEUARGCYSCYSGLYSER  o o o o o o	4680	4686
4681	PROPHETYRLEULYSGLUALAPHEGLYASPGLYTYRHISLEUTHRLEUTHRLYSLYSLYS	4740	4746
4681	PROPHETYRLEULYSGLUALAPHEGLYASPGLYTYRHISLEUTHRLEUTHRLYSLYSLYS	4740	4746
4741	SERPROASNLEUASNALAASNALAVALCYSASPTHRMETALAVALTHRALAMETILEGLN	4800	4806
4741		4740	4746
4801	SERHISLEUPROGLUALATYRLEULYSGLUASPILEGLYGLYGLULEUVALTYRVALLEU	4860	4866
4741	***************************************	4740	4746

4861	PROPROPHESERTHRLYSVALSERGLYALATYRLEUSERLEULEUARGALALEUASPASN	4920	4926
4741		4740	4746
4921	GLYMETGLYASPLEUASNILEGLYCYSTYRGLYILESERASPTHRTHRVALGLUGLUVAL	4980	4986
4741	VAL	4743	4749
4981	PHELEUASNLEUTHRLYSGLUSERGLNLYSASNSERALAMETSERLEUGLUHISLEUTHR	5040	5046
4744	PHELEUASNLEUTHRLYSGLUSERGLNLYSASNSERALAMETSERLEUGLUHISLEUTHR  o o o o o o o	4803	4809
5041	GLNLYSLYSILEGLYASNSERASNALAASNGLYILESERTHRPROASPASPLEUSERVAL	5100	5106
4804	GLNLYSLYSILEGLYASNSERASNALAASNGLYILESERTHRPROASPASPLEUSERVAL  O O O O O O O O	4863	4869
5101	SERSERSERASNPHETHRASPARGASPASPLYSILELEUTHRARGGLYGLUARGLEUASP	5160	5166
4864	SERSERASNPHETHRASPARGASPASPLYSILELEUTHRARGGLYGLUARGLEUASP  o o o o o	4923	4929
5161	GLYPHEGLYLEULEULYSLYSILEMETALAILELEUILELYSARGPHEHISHISXAA	5220	5226
4924	GLYPHEGLYLEULEULYSLYSILEMETALAILELEUILELYSARGPHEHISHISALA  o o o o o o o o o o o o o o o o o o o	4983	4989
5221	ARGARGASNTRPLYSGLYLEUILEALAGLNVALILELEUPROILEVALPHEVALTHRTHR	5280	5286
4984	ARGARGASNTRPLYSGLYLEUILEALAGLNVALILELEUPROILEVALPHEVALTHRTHR  O O O O O O O O O O O O O O O O O O	5043	5049
5281	ALAMETGLYLEUGLYTHRLEUARGASNSERSERASNSERTYRPROGLUILEGLNILESER	5340	5346
5044	ALAMETGLYLEUGLYTHRLEUARGASNSERSERASNSERTYRPROGLUILEGLNILESER  O O O O O O O O O O O O O O O O O O	5103	5109
5341	PROSERLEUTYRGLYTHRSERGLUGLNTHRALAPHETYRALAASNTYRHISPROSERTHR	5400	5406
5104	PROSERLEUTYRGLYTHRSERXAAGLNTHRALAPHETYRALAASNTYRHISPROSERTHR	5163	5169

5401	GLUALALEUVALSERALAMETTRPASPPHEPROGLYILEASPASNMETCYSLEUASNTHR	5460	5466
5164		5223	5229
5461	SERASPLEUGLNCYSLEUASNLYSASPSERLEUGLULYSTRPASNTHRSERGLYGLUPRO	5520	5526
5224	SERASPLEUGLNCYSLEUASNLYSASPSERLEUGLULYSTRPASNTHRSERGLYGLUPRO  O O O O O O O O O O O O O O O O O O	5283	5289
5521	ILETHRASNPHEGLYVALCYSSERCYSSERGLUASNVALGLNGLUCYSPROLYSPHEASN	5580	5586
5284	ILETHRASNPHEGLYVALCYSSERCYSSERGLUASNVALGLNGLUCYSPROLYSPHEASN  O O O O O O O O O O O O O O O O O O	5343	5349
5581	TYRSERPROPROHISARGARGTHRTYRSERSERGLNVALILETYRASNLEUTHRGLYGLN	5640	5646
5344	TYRSERPROPROHISARGARGTHRTYRSERSERGLNVALILETYRASNLEUTHRGLYGLN  o o o o o o	5403	5409
5641	ARGVALGLUASNTYRLEUILESERTHRALAASNGLUPHEVALGLNLYSARGTYRGLYGLY	5700	5706
5404	ARGVALGLUASNTYRLEUILESERTHRALAASNGLUPHEVALGLNLYSARGTYRGLYGLY  O O O O O O O O	5463	5469
5701	TRPSERPHEGLYLEUPROLEUTHRLYSASPLEUARGPHEASPILETHRGLYVALPROALA	5760	5766
5464	TRPSERPHEGLYLEUPROLEUTHRLYSASPLEUARGPHEASPILETHRGLYVALPROALA  o o o o o o  · · · · · · · · · · · · ·	5523	5529
5761	ASNARGTHRLEUALALYSVALTRPTYRASPPROGLUGLYTYRHISSERLEUPROALATYR	5820	5826
5524	ASNARGTHRLEUALALYSVALTRPTYRASPPROGLUGLYTYRHISSERLEUPROALATYR  o o o o o o  · · · · · · · · · · · · ·	5583	5589
5821	LEUASNSERLEUASNASNPHELEULEUARGVALASNMETSERLYSTYRASPALAALAARG	5880	5886
5584	LEUASNSERLEUASNASNPHELEULEUARGVALASNMETSERLYSTYRASPALAALAARG OOOOOO	5643	5649
5881	HISGLYILEILEMETTYRSERHISPROTYRPROGLYVALGLNASPGLNGLUGLNALATHR	5940	5946
5644	HISGLYILEILEMETTYRSERHISPROTYRPROGLYVALGLNASPGLNGLUGLNALATHR	5703	5709

5941		6000	6006
5704	ILESERSERLEUILEASPILELEUVALALALEUSERILELEUMETGLYTYRSERVALTHR	5763	5769
6001	THRALASERPHEVALTHRTYRVALVALARGGLUHISGLNTHRLYSALALYSGLNLEUGLN	6060	6066
5764	THRALASERPHEVALTHRTYRVALVALARGGLUHISGLNTHRLYSALALYSGLNLEUGLN  O O O O O	5823	5829
6061	HISILESERGLYILEGLYVALTHRCYSTYRTRPVALTHRASNPHEILETYRASPMETVAL	6120	6126
5824	HISILESERGLYILEGLYVALTHRCYSTYRTRPVALTHRASNPHEILETYRASPMETVAL	5883	5889
6121	PHETYRLEUVALPROVALALAPHESERILEGLYILEILEALAILEPHELYSLEUPROALA	6180	6186
5884	PHETYRLEUVALPROVALALAPHESERILEGLYILEILEALAILEPHELYSLEUPROALA  o o o o o	5943	5949
6181	PHETYRSERGLUASNASNLEUGLYALAVALSERLEULEULEULEULEUPHEGLYHISALA	6240	6246
5944	PHETYRSERGLUASNASNLEUGLYALAVALSERLEULEULEULEULEUPHEGLYHISALA  O O O O O O O O O O O O O O O O O O	6003	6009
6241	THRPHESERTRPMETTYRLEULEUALAGLYLEUPHEHISGLUTHRGLYMETALAPHEILE	6300	6306
6004	THRPHESERTRPMETTYRLEULEUALAGLYLEUPHEHISGLUTHRGLYMETALAPHEILE  o o o o o o  · · · · · · · · · ·	6063	6069
6301	THRTYRVALCYSVALASNLEUPHEPHEGLYILEASNSERILEVALSERLEUSERVALVAL	6360	6366
6064	THRTYRVALCYSVALASNLEUPHEPHEGLYILEASNSERILEVALSERLEUSERVALVAL  o o o o o o	6123	6129
6361	TYRPHELEUSERLYSGLULYSPROASNASPPROTHRLEUGLULEUILESERGLUTHRLEU	6420	6426
6124	TYRPHELEUSERLYSGLULYSPROASNASPPROTHRLEUGLULEUILESERGLUTHRLEU  o o o o o o o o o o o o o o o o o o o	6183	6189
6421	LYSARGILEPHELEUILEPHEPROGLNPHECYSPHEGLYTYRGLYLEUILEGLULEUSER	6480	6486
6184	LYSARGILEPHELEUILEPHEPROGLNPHECYSPHEGLYTYRGLYLEUILEGLULEUSER  ° ° ° ° ° ° ° ° °	6243	6249

6481	GLNGLNGLNSERVALLEUASPPHELEULYSALATYRGLYVALGLUTYRPROASNGLUTHR	6540	6546
6244	GLNGLNGLNSERVALLEUASPPHELEULYSALATYRGLYVALGLUTYRPROASNGLUTHR  o o o o o o o o o o o o o o o o o o o	6303	6309
6541	PHEGLUMETASNLYSLEUGLYALAMETPHEVALALALEUVALSERGLNGLYTHRMETPHE	6600	6606
6304	PHEGLUMETASNLYSLEUGLYALAMETPHEVALALALEUVALSERGLNGLYTHRMETPHE  o o o o o o o o o o o o o o o o o o o	6363	6369
6601	PHESERLEUARGLEULEUILEASNGLUSERLEUILELYSLYSLEUARGLEUPHEPHEARG	6660	6666
6364	PHESERLEUARGLEUILEASNGLUSERLEUILELYSLYSLEUARGLEUPHEPHEARG  O O O O O O O O O O O O O O O O O O	6423	6429
6661	LYSPHEASNSERSERHISVALARGGLUTHRILEASPGLUASPGLUASPVALARGALAGLU	6720	6726
6424	LYSPHEASNSERSERHISVALARGGLUTHRILEASPGLUASPGLUASPVALARGALAGLU  O O O O O O O O O O O O O O O O O O	6483	6489
6721	ARGLEUARGVALGLUSERGLYALAALAGLUPHEASPLEUVALGLNLEUTYRCYSLEUTHR	6780	6786
6484	ARGLEUARGVALGLUSERGLYALAALAGLUPHEASPLEUVALGLNLEUTYRCYSLEUTHR	6543	6549
6781	LYSTHRTYRGLNLEUILEHISLYSLYSILEILEALAVALASNASNILESERILEGLYILE	6840	6846
6544	LYSTHRTYRGLNLEUILEHISLYSLYSILEILEALAVALASNASNILESERILEGLYILE  O O O O O O O O O O O O O O O O O O	6603	6609
6841	PROALAGLYGLUCYSPHEGLYLEULEUGLYVALASNGLYALAGLYLYSTHRTHRILEPHE	6900	6906
6604	PROALAGLYGLUCYSPHEGLYLEULEUGLYVALASNGLYALAGLYLYSTHRTHRILEPHE  O O O O O O O O O O O O O O O O O O	6663	6669
6901	LYSMETLEUTHRGLYASPILEILEPROSERSERGLYASNILELEUILEARGASNLYSTHR	6960	6966
6664	LYSMETLEUTHRGLYASPILEILEPROSERSERGLYASNILELEUILEARGASNLYSTHR  O O O O O O O O	6723	6729
6961	GLYSERLEUGLYHISVALASPSERHISSERSERLEUVALGLYTYRCYSPROGLNGLUASP	7020	7026
6724	${\tt GLYSERLEUGLYHISVALASPSERHISSERSERLEUVALGLYTYRCYSPROGLNGLUASP}$	6783	6789

7021	ALALEUASPASPLEUVALTHRVALGLUGLUHISLEUTYRPHETYRALAARGVALHISGLY	7080	7086
6784	ALALEUASPASPLEUVALTHRVALGLUGLUHISLEUTYRPHETYRALAARGVALHISGLY  O O O O O O O	6843	6849
7081	<pre>ILEPROGLULYSASPILELYSGLUTHRVALHISLYSLEULEUARGARGLEUHISLEUMET                                     </pre>	7140	7146
6844	ILEPROGLULYSASPILELYSGLUTHRVALHISLYSLEULEUARGARGLEUHISLEUMET  O O O O O O O O O O O O O O O O O O	6903	6909
7141	PROPHELYSASPARGALATHRSERMETCYSSERTYRGLYTHRLYSARGLYSLEUSERTHR	7200	7206
6904	PROPHELYSASPARGALATHRSERMETCYSSERTYRGLYTHRLYSARGLYSLEUSERTHR  o o o o o o o o o o o o o o o o o o o	6963	6969
7201	ALALEUALALEUILEGLYLYSPROSERILELEULEULEUASPGLUPROSERSERGLYMET	7260	7266
6964	ALALEUALALEUILEGLYLYSPROSERILELEULEULEUASPGLUPROSERSERGLYMET  o o o o o o o o o o o o o o o o o o o	7023	7029
7261	ASPPROLYSSERLYSARGHISLEUTRPLYSILEILESERGLUGLUVALGLNASNLYSCYS	7320	7326
	ASPPROLYSSERLYSARGHISLEUTRPLYSILEILESERGLUGLUVALGLNASNLYSCYS  O O O O O O O O		7089
7321	SERVALILELEUTHRSERHISSERMETGLUGLUCYSGLUALALEUCYSTHRARGLEUALA		7386
7084	SERVALILELEUTHRSERHISSERMETGLUGLUCYSGLUALALEUCYSTHRARGLEUALA  o o o o o o	7143	7149
7381	ILEMETVALASNGLYLYSPHEGLNCYSILEGLYSERLEUGLNHISILELYSSERARGPHE	7440	7446
7144	ILEMETVALASNGLYLYSPHEGLNCYSILEGLYSERLEUGLNHISILELYSSERARGPHE  o o o o o o  · · · · · · · · · ·	7203	7209
7441	GLYARGGLYPHETHRVALLYSVALHISLEULYSASNASNLYSVALTHRMETGLUTHRLEU	7500	7506
7204	GLYARGGLYPHETHRVALLYSVALHISLEULYSASNASNLYSVALTHRMETGLUTHRLEU  O O O O O O O O	7263	7269
7501	THRLYSPHEMETGLNLEUHISPHEPROLYSTHRTYRLEULYSASPGLNHISLEUSERMET	7560	7566
7264	THRLYSPHEMETGLNLEUHISPHEPROLYSTHRTYRLEULYSASPGLNHISLEUSERMET	7323	7329

7561	LEUGLUTYRHISVALPROVALTHRALAGLYGLYVALALAASNILEPHEASPLEULEUGL	ช 7620 	7626
7324	LEUGLUTYRHISVALPROVALTHRALAGLYGLYVALALAASNILEPHEASPLEULEUGL	บ 7383	7389
	0 0 0 0 0		
	•		
7621	THRASNLYSTHRALALEUASNILETHRASNPHELEUVALSERGLNTHRTHRLEUGLUGL	บ 7680	7686
7384	THRASNLYSTHRALALEUASNILETHRASNPHELEUVALSERGLNTHRTHRLEUGLUGL	U 7443	7449
	0 0 0 0 0		
	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		
7681	VALPHEILEASNPHEALALYSASPGLNLYSSERTYRGLUTHRALAASPTHRSERSERGL	N 7740	7746
7444	VALPHEILEASNPHEALALYSASPGLNLYSSERTYRGLUTHRALAASPTHRSERSERGL	N 7503	7509
	0 0 0 0 0		
7741	OL MODDEWINT LEGERALL A GROUP OL MA GRA A GROUP MODERN AGRA A GROUP A GROUP AGRA A GROUP A GROUP AGRA A GROUP A GRO		7701
7741	GLYSERTHRILESERVALASPSERGLNASPASPGLNMETGLUSER 7785		7791
7504	GLYSERTHRILESERVALASPSERGLNASPASPGLNMETGLUSER 7548		7554
	0 0 0 0 0		